

Figure 1 [SEQ ID NO:2]

1/3

1 MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK
51 LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME
101 DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMEGG SIVATTYLG
151 EFAVQYNVM GVAKASLEAN VKYALDLGP DNIRVNAISA GPRTLAKG
201 VGGENTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS
251 GFHAIK

Figure 2 [SEQ ID NO:1]

2/3

1 ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA
51 GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA
101 AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA
151 TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT
201 TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAAAT GGTAAGATG
251 TTGGCAATAT TGATGGTGTA TATCATTCAA TCGCATTGTC TAATAATGGAA
301 GACTTACGCG GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCTTGTTAGC
351 TCAAAGACATT AGTTCCTTACT CATTAAACAAT TGTGGCTCAT GAAGCTAAAA
401 AATTAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC
451 GAATTCGCAG TTCAAAATTA TAATGTGATG GGTGTTGCTA AAGCGAGCTT
501 AGAAGCAAAT GTTAAATATT TAGCATTAGA CTTAGGTCCCT GATAATATTC
551 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAAG TGCAAAAAGGT
601 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCTTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT

Figure 2A

3/3

651 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAACACAGCG GCTTACTTTRT
701 TAAGTGACTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC
751 GGATTCCACG CAATTAAATA A